CHAPITRE V: ETUDE DES ORGANITES CELLULAIRES

IV- LES RIBOSOMES ET LA SYNTHESE PROTEIQUE

INTRODUCTION :

Les protéines sont des plus importantes classes de molécules présentes dans tous les organismes vivants et les virus. Du point de vue biochimique, il s'agit de grosses molécules formées de chaînes de longueur variable d'acides aminés. Toutes les protéines qu'elles soient d'origine bactérienne, végétale ou animale sont constituées à partir d'un groupe de 20 acides aminés.

Ces protéines sont des molécules qui jouent un rôle biologique très important. Elles assurent l'essentiel des fonctions de la cellule (architecture cellulaire, effecteurs au niveau du fonctionnement). De façon générale, on peut dire qu'elles font le lien entre génotype (l'information génétique, contenue dans l'ADN) et phénotype (l'expression visible du génotype, par exemple avoir les yeux bleus).

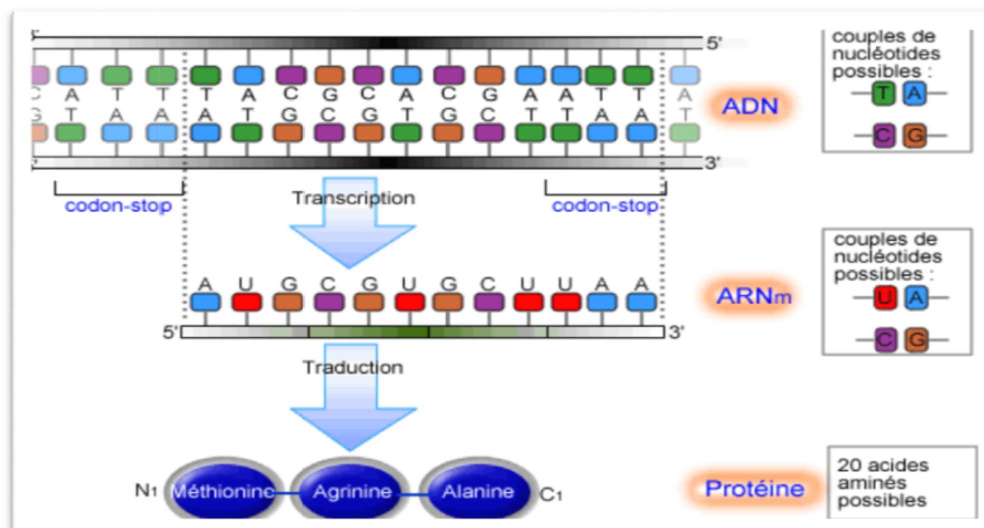
On les retrouve sous différentes formes : enzymes, hormones, récepteurs, neurotransmetteurs.

Une protéine est constituée de longues chaînes d'acides aminés (les éléments de base) liés les uns aux autres dans un ordre précis pour former une ou plusieurs chaînes peptidiques, les plus courtes font une cinquantaine d'acides aminés, les plus longues pouvant atteindre plusieurs milliers. Ces chaînes peuvent en outre porter une chaîne glucidique (c'est le cas en particulier des protéines extracellulaires)

On distingue plusieurs types de protéines en fonction de leur activité.

- **en protéines « de structure » :** Les protéines de structure construisent la charpente de l'organisme vivant. Cette famille comprend le collagène constitue l'armature interne des cellules et l'elastine des animaux, la lignine des arbres, l'actine et la tubuline des muscles etc...
- **protéines « fonctionnelles» :** Elles constituent les anticorps, les enzymes, certaines hormones

En générale la synthèse des protéines est la transcription et la traduction de parties spécifiques de l'ADN (gènes) pour former les protéines.



I- LES ACIDES AMINES

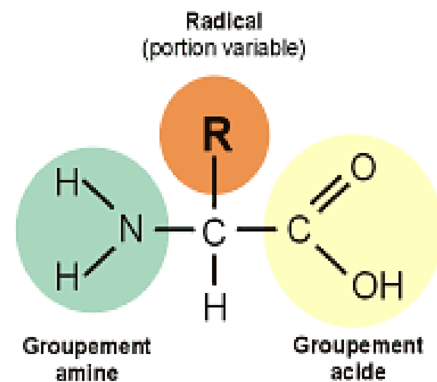
Les acides aminés sont les unités de base des protéines. Il existe environ vingt acides aminés différents communément présents dans les protéines animales et végétales. Bien que dans la nature, il existe plus de 100 acides aminés (certains ont été retrouvés sur des météorites).

Ces acides aminés s'assemblent pour former des chaînes appelées " peptides ". Une protéine donnée peut contenir cinq cents acides aminés ou plus. Chaque protéine possède un nombre et une chaîne d'acides aminés unique qui déterminent sa structure et sa fonction particulières.

N.B. On utilise généralement le terme peptide pour désigner les plus petits polypeptides (moins de 50 acides aminés) et protéines pour les plus gros. La plupart des protéines comportent entre 100 et 200 acides aminés. On connaît cependant de petits peptides de moins de 10 acides aminés et des protéines géantes en comportant plus de 600.

Ils peuvent être à l'état libre ou sous forme de peptides ou protéines. Ils ont tous la même structure de base. Ils sont formés d'un carbone auquel sont liés:

- Un groupement amine (NH_2)
- Un groupement acide (COOH)
- Une portion variable d'un acide aminé à l'autre (indiqué par la lettre R sur la molécule ci-contre; R pour radical).



Sur les 20 différents acides aminés qui nous sont nécessaires, 8 sont dits essentiels car i**ls ne peuvent absolument pas être fabriqués par notre organisme,** on doit nécessairement **les puiser dans les protéines de nos aliments**. On peut fabriquer certains acides aminés à partir de glucose (il faut alors une source d'azote puisqu'il n'y a pas d'azote dans le glucose). On peut aussi transformer certains acides aminés qui seraient en surplus en d'autres acides aminés. Mais on ne peut pas fabriquer les acides aminés essentiels. Il faut absolument se les procurer par nos aliments.

Les huit acides aminés indispensables à l'être humain sont : la leucine, l'isoleucine, la valine, la thréonine, la méthionine, la phénylalanine, la tryptophane et la lysine. Pour les enfants, l'histidine est également considérée comme un acide aminé essentiel.

Tableau illustrant les acides aminés essentiels et non essentiels

Les acides aminés essentiels	Les acides aminés non essentiels
Valine	Glycine
Leucine	Alanine
Isoleucine	Sérine
Thréonine	A.Aspartique
Lysine	A.Glutamique
Phénylalanine	Arginine
Tryptophane	Tyrosine
Méthionine	Cystéine
Histidine	Proline
	Hydroxy proline
	Hydroxy lysine

II- LES RIBOSOMES :

Les ribosomes ont été décrits pour la première fois par Palade en 1953 au microscope électronique à transmission (MET). Ce sont des constituants universels de tous les êtres vivants à l'exception des Acaryotes (sans noyau).
Les ribosomes sont des complexes ribonucléoprotéiques (c'est-à-dire composés de protéines et d'ARN) présents dans les cellules eucaryotes et procaryotes. Leur fonction est de synthétiser les protéines en décodant l'information contenue dans l'ARN messager. Ils sont constitués d'ARN ribosomiques, qui portent l'activité catalytique, et de protéines ribosomiques. Les ribosomes sont constitués de deux sous-unités, une plus petite qui « lit » l'ARN messager et une plus grosse qui se charge de la synthèse de la protéine correspondante.

1 : Localisation :

Ils se trouvent dans le cytoplasme, libres, ou associés, soit aux membranes du réticulum endoplasmique, soit à l'enveloppe nucléaire, soit même chez certaines bactéries à leur membrane interne (par exemple chez *Escherichia coli*). Un chapelet de ribosomes est appelé polysome ou polyribosome. On trouve aussi des ribosomes dans les mitochondries et certains plastes, dont la structure est celle des ribosomes procaryotes. Ceci s'explique par la théorie de l'endosymbiose.

Les ribosomes en fonction de leur vitesse de sédimentation on distingue :

- ✓ Les ribosomes des Procaryotes qui ont une constante de sédimentation de 70 S
- ✓ Les ribosomes des Eucaryotes ont une constante plus élevée qui est de 80 S
- ✓ Les Mitoribosomes par contre ont une constante qui varie entre 60 S et 70 S

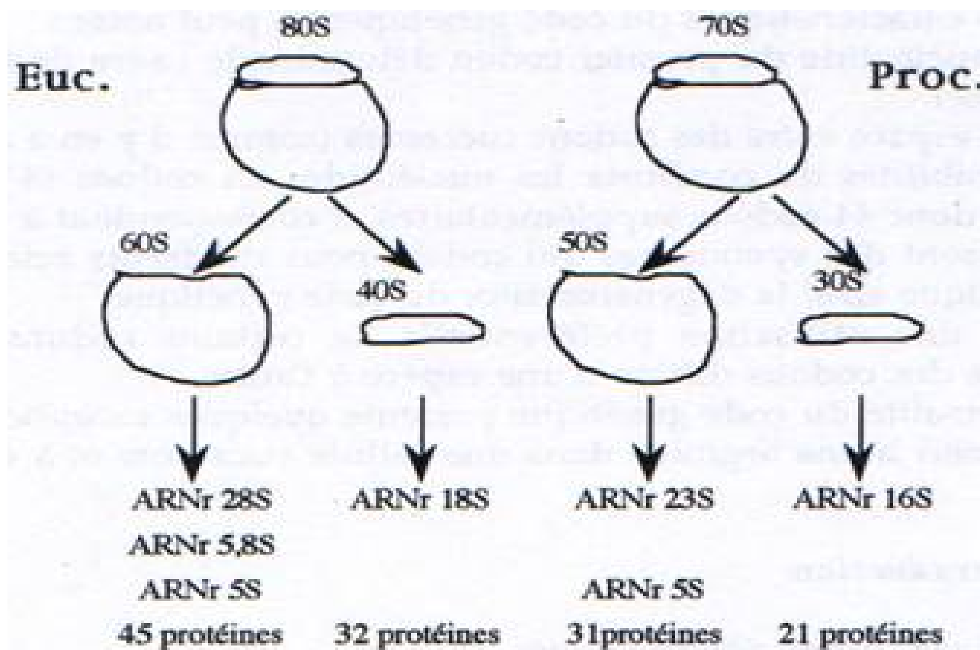
S : unité de sédimentation (Sved berg). 1 S = 10^{-13} secondes

2 : Ultra structure :

Les ribosomes sont des structures très hydratées, ils contiennent jusqu'à 70% d'eau, le reste (poids sec) est composé d'ARNr et de protéines. Les proportions de protéines et d'ARNr sont différentes d'un type de ribosome à un autre. Il y a 50% de protéines et 50% d'ARNr chez les Eucaryotes. Chez les Procaryotes, les ribosomes contiennent 60% de protéines et 40% d'ARNr.
L'observation de coupes minces au (MET) montre que les ribosomes ont une forme globulaire de 150 à 200A° de diamètre. Ils sont composés de deux sous-unités: une grande (L pour *large*) et une petite (S pour *small*) sous-unité. Ces sous-unités sont construites autour d'un cœur d'ARN ribosomique posédant une structure très compacte, autour duquel sont accrochées les protéines. Le site actif du ribosome qui catalyse la liaison peptidique est constitué d'ARN. La biogenèse des ribosomes a lieu dans le nucléole, une structure du noyau.

Grande sous-unité : Dans le ribosome cytoplasmique des eucaryotes, elle est constituée de trois molécules d'ARNr (5S, 28S et 5.8S, comportant respectivement cent vingt, quatre mille sept cents et cent soixante nucléotides), et de 49 protéines ribosomiques. Cette grande sous-unité a une masse moléculaire de $2,8.10^6$ Daltons, un coefficient de sédimentation de 60S. Chez les procaryotes, cette grande sous-unité est caractérisée par un coefficient de sédimentation de 50S ; elle est composée d'ARN 23S (2300 nucléotides), d'ARN 5 S (120 nucléotides) et de trente-quatre protéines.

Petite sous-unité : Dans le ribosome cytoplasmique des eucaryotes, elle n'est constituée que d'une molécule d'ARNr (18S, comportant mille neuf cents nucléotides) et de trente-trois protéines ribosomiques. Cette petite sous-unité a une masse moléculaire de $1,4.10^6$ Daltons, un coefficient de sédimentation de 40S. Chez les procaryotes, elle est constituée d'ARNr 16S (1540 nucléotides) et de vingt-et-une protéines. Son coefficient de sédimentation est de 30S.
Au total, le ribosome fonctionnel (composé des deux sous-unités réunies) a une masse moléculaire de $4,2.10^6$ Daltons, un coefficient de sédimentation de 80S chez les eucaryotes et 70S chez les procaryotes.

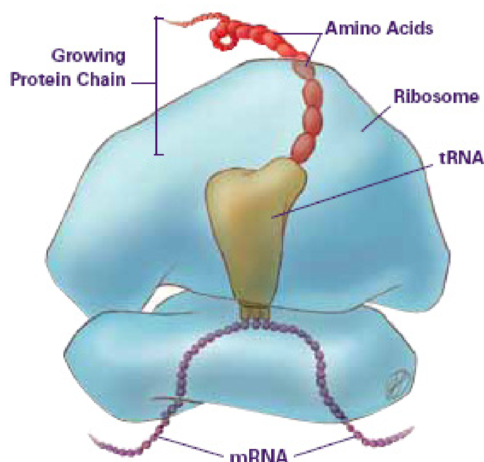


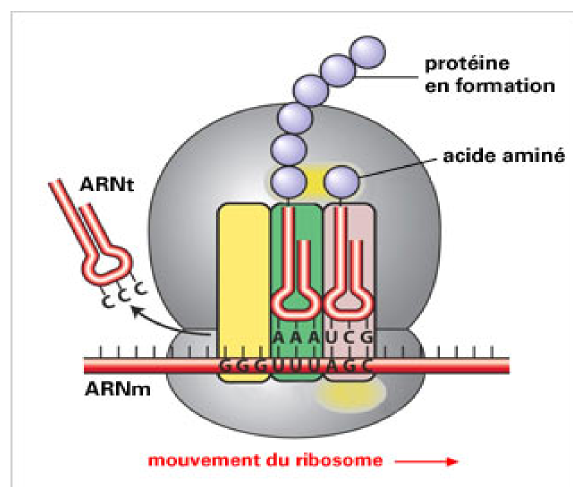
Les mitochondries et les chloroplastes (des cellules végétales) contiennent également des ribosomes 70S, ce qui en plus du fait qu'ils ont leur propre ADN et leur propre mécanisme de reproduction, étayerai la thèse selon laquelle ces organites seraient issues de procaryotes en symbiose avec la cellule eucaryote (théorie de l'endosymbiose).

3 : Biogénèse des ribosomes :

Chez les Eucaryotes, les ribosomes sont assemblés à l'intérieur du nucléole. Les ARN 18S, 5,8S et 28S sont synthétisés dans le nucléole sous la forme d'un précurseur moléculaire de dimensions bien supérieures ; l'ARN 5S est synthétisé en dehors du nucléole, dans le nucléoplasme, et les protéines ribosomales sont renvoyées par le cytoplasme vers le noyau. Une fois prêts, tous les composants migrent dans le nucléole où ils sont associés pour former les sous-unités du ribosome. Celles-ci sont ensuite transférées séparément du noyau au cytoplasme. Une fois parvenues dans le cytoplasme, les sous-unités sont regroupées en ribosomes et commencent leur activité de synthèse en traduisant les messages qui arrivent du noyau sous forme d'ARN messager.
Pendant la synthèse protéique, il arrive souvent que de nombreux ribosomes s'attachent à une molécule d'ARN messager, formant de la sorte des agrégats connus sous le nom de polyribosomes. Dans chaque ribosome, la sous-unité la plus grande dispose d'une surface concave qui reçoit la surface plus petite et présente trois protubérances qui forment une région en forme de couronne. L'ARN messager se loge dans l'espace séparant les deux sous-unités (où a lieu la traduction) et le ribosome s'en sert comme d'un rail pour progresser et assurer son déchiffrage. Le fragment d'ARN est alors protégé contre les enzymes de dégradation tels que les ribonucléases (nucléases).

L'ARN messager passe à travers la petite sous-unité (30S ou 40S) qui contient les sites de fixation des ARNt sur l'ARNm. La grande sous-unité contient la partie catalytique qui effectue la synthèse de la liaison peptidique entre les acides aminés consécutifs de la protéine. La grande sous-unité contient également un tunnel par lequel sort la chaîne protéique en cours de synthèse. Il existe aussi dans la grande sous-unité deux sites (A ou site Aminoacyl et P ou site Peptidyl) où vont se fixer les ARNt porteurs des acides aminés pendant la traduction. Le site (P) est occupé par un ARNt porteur d'un acide aminé lié à la chaîne polypeptidique résultante. Le site (A) est, quant à lui, occupé par un ARNt porteur d'un acide aminé en attente d'être lié à la chaîne polypeptidique.





4-Rôle des ribosomes :
Les ribosomes jouent un rôle dans la synthèse des protéines. C'est à leur niveau que les acides aminés sont assemblés, selon une séquence déterminée par celle des codons (succession de 03 bases au niveau d'ARNm).les ribosomes réalisent la traduction de l'information génétique portée par l'ARNm en une protéine.

III- LES ACIDES NUCLEIQUES :

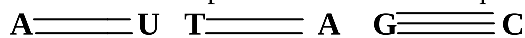
Ce sont des polymères de nucléotides, chaque nucléotide donne par hydolyse :

✓ Une molécule de sucre en C5 (Pentose)
- Désoxyribose pour les acides désoxyribonucléiques (ADN)
- Ribose pour les acides ribonucléiques (ARN)

✓ Une molicule d'acide phosphorique (H3PO4)
✓ Une molicule de l'une des bases azotés suivantes :
* Adinine (A), Guanine (G), Citosine (C), Thymine (T) pour l'ADN.
*Adinine (A), Guanine (G), Citosine(C), Uracile (U) pour l'ARN.

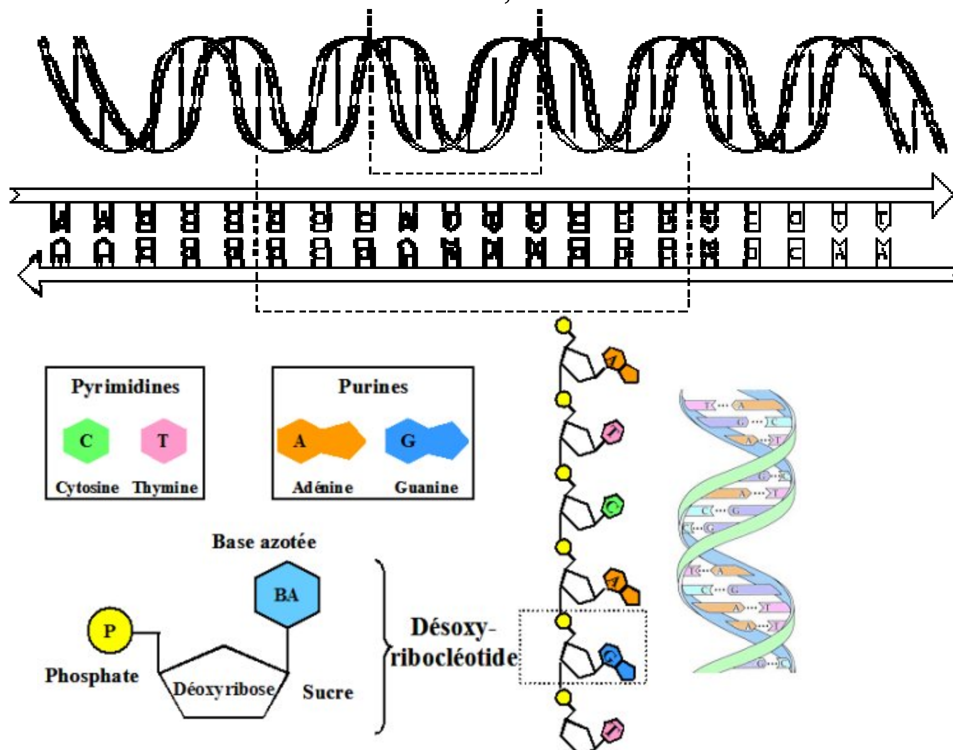
A et G : sont des bases comportant un noyau purique volumineux.
C, G et T : sont des bases à noyau pyrimidique moins encombrant.
- les liaisons peuvent s'établir uniquement entre :

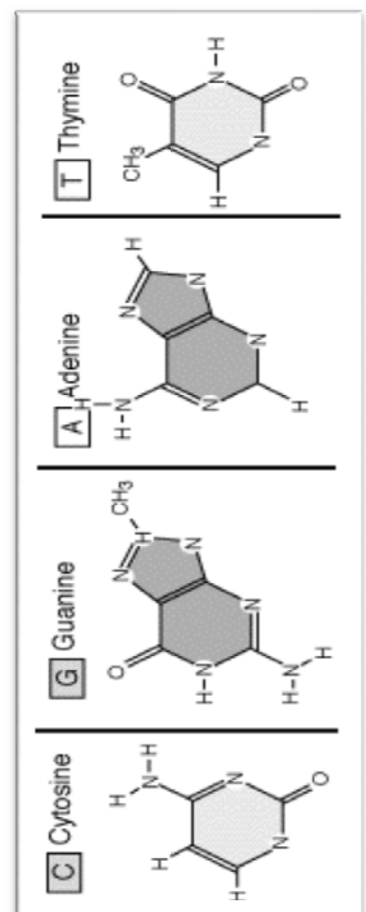
A U T A G C



enroulée en hélice, ils sont le plus souvent associés à des protéines, ils constituent le matériel héréditaire.

➢ **L'acide désoxyribonucléique (ADN) :**
La molécule est en chaîne double,

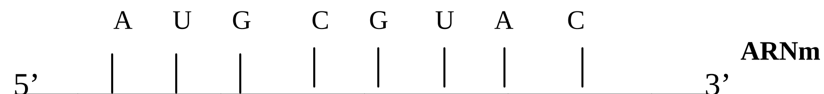




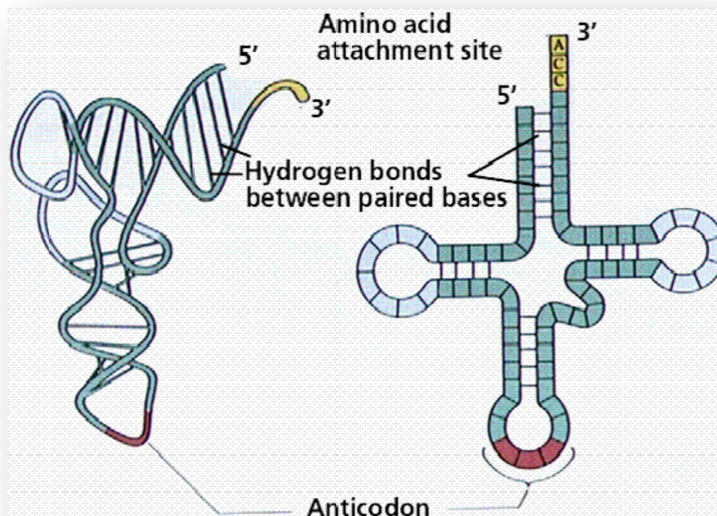
- **L'acide ribonucléique (ARN) :**

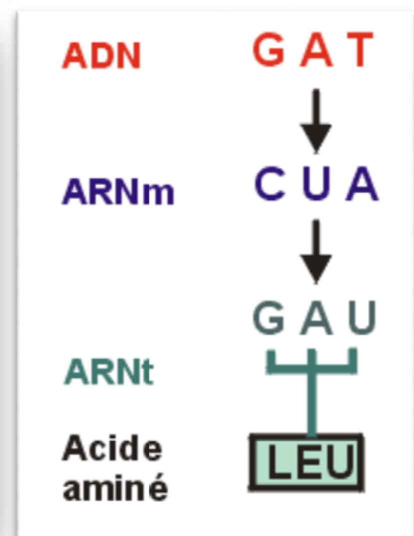
Les molécules sont généralement en chênes simples, ils sont de 03 types dans la cellule, de caractère et de rôle bien différents.

- ✓ **Les ARNm (messagers):** Ils ont une durée de vie variable, ils sont vite synthétisés et vite dégradés, ils transmettent l'information des ADN localisés dans le noyau vers le cytoplasme de la cellule. Cette information est représentée par une succession de triplets de bases (codons) complémentaire de la séquence des triplets de bases présentes dans l'ADN.



- ✓ **Les ARNt (transporteurs) :** Ce sont de petites molécules stables, l'extrémité 3'pouvant fixer un acide aminé, toujours le même pour un ARNt donné à l'opposé de cet acide aminé sur la molécule se trouve une zone de 03 bases caractéristiques de l'ARNt c'est l'anticodon.





- ✓ **Les ARNr (ribosomiens) :** Ce sont des molécules stables, ils peuvent s'associer de façon constante avec des protéines pour former les ribosomes.

IV- LA SYNTHESE PROTEIQUE :

A : LES ETAPES DE LA SYNTHESE PROTEIQUE:

La succession des bases sur l'ADN représente pour la cellule l'information lui permettant de synthétiser des protéines formées d'acides aminés accrochés les uns aux autres dans un ordre donné par des liaisons peptidiques. L'ordre des acides aminés est déterminé par l'ordre des bases sur l'ADN : l'information correspondant à un acide aminé est portée par un groupe de 03 nucléotides (triplet)sur l'ADN. Donc l'assemblage des acides aminés est contrôlé par un code génétique porté par les séquences des nucléotides de l'ADN. Le processus de la synthèse des protéines est divisé en deux étapes principales :

***1ère étape :** transcription d'une séquence nucléotidique de l'ADN en une séquence complémentaire de nucléotide d'ARNm.

***2ème étape :** traduction de cette séquence d'ARNm en une séquence polypeptidique.

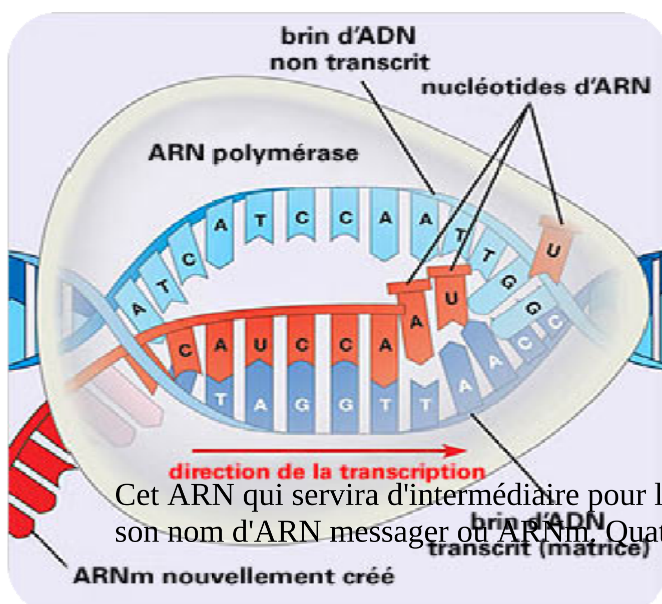
1 : La transcription : l'ADN est maintenu en permanence dans le noyau de la cellule et la synthèse des protéines a lieu dans le hyaloplasme au niveau des ribosomes , il y a donc nécessité d'un intermédiaire qui est l'ARNm. Il est synthétisé dans le noyau avec l'ADN comme matrice par le jeu de complémentarité de bases. Seule une des chênes d'ADN est transcrite. Le brin d'ADN transcrit est le brin matriciel.

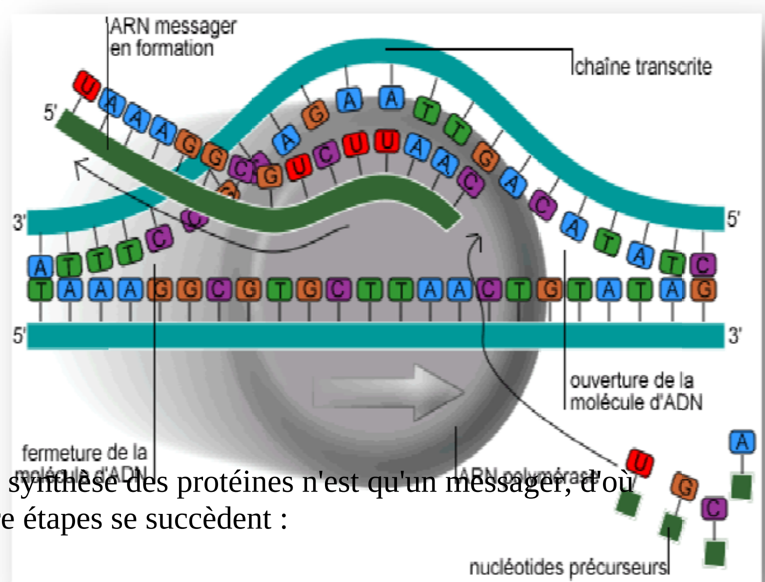
- La transcription est un processus biologique ubiquitaire qui consiste, au niveau de la cellule, en la copie des régions dites codantes de l'ADN en molécules d'ARN. En effet, si la molécule d'ADN est le support universel de l'information génétique, ce sont les molécules d'ARN qui sont reconnues par la machinerie de traduction en séquences protéiques.

- L'enzyme qui catalyse cette réaction de transcription est appelée ARN polymérase. Il en existe plusieurs types intervenant dans la transcription de plusieurs types d'ARN (messager, ribosomique, de transfert, etc.) L'ARN polymérase reconnaît et se fixe sur une région particulière de l'ADN, située en amont d'une région codante d'un gène : le site promoteur.

Chez les eucaryotes, le transcrit primaire d'ARNm est complété par une queue (polyadénylation) et une extrémité 5' comportant plusieurs modifications chimiques : la coiffe.

La molécule d'ARN directement synthétisée à partir du modèle ADN reste dans le noyau et est traitée par un complexe enzymatique. Ce mécanisme s'appelle l'épissage : certaines séquences appelées introns sont excisées, les exons restant se relient ensuite entre eux. Il peut y avoir un mécanisme d'épissage alternatif, augmentant ainsi le nombre de possibilités d'ARN messager mature. L'ARN produit est plus court, passe dans le cytoplasme et devient un ARNm ou ARN messager mature.





Cet ARN qui servira d'intermédiaire pour la synthèse des protéines n'est qu'un messager, d'où son nom d'ARN messager ou ARNm. Quatre étapes se succèdent :

a) Initiation : Pour que les enzymes intervenant dans cette transcription reconnaissent le début et la fin d'un gène au milieu de la longue séquence des nucléotides de l'ADN, chaque gène possède des bornes. Celle qui permet le départ de la transcription est appelée promoteur. Quelque soit le gène, cette zone contient une séquence de nucléotides, succession de Thymine et Adénine, appelée TATA box (ou boite TATA). C'est cette séquence qui est reconnue par l'ARN polymérase (II), enzyme responsable de la transcription, à condition qu'un facteur de transcription se soit fixé auparavant au promoteur. Une fois en place, l'ARN polymérase ne sera active que sous l'influence d'autres facteurs de transcription.

b) Élongation : L'enzyme sépare alors les deux brins d'ADN sur une dizaine de nucléotides et permet l'appariement des nucléotides du futur ARNm. Seul un des deux brins d'ADN servira de matrice (celui de sens 5' -> 3'). Au fur et à mesure, l'enzyme avance et poursuit la transcription. La molécule d'ARN formée est détachée du brin codant d'ADN qui se réassocie au brin non codant.

c) Terminaison : Quand l'ARN polymérase arrive sur la "borne de fin" du gène, le site de terminaison, elle cesse son activité et libère l'ARNm. La séquence qui constitue le site de terminaison est généralement AATAAA.

d) Maturation : L'ARNm formé n'est pas encore mature pour la synthèse des protéines. Avant sa sortie du noyau il doit subir des modifications. On parle d'ARN prémessager. Cette maturation va surtout correspondre à la suppression de certaines parties de l'ARN.

Dans un premier temps, à chaque extrémité de l'ARNm va être rajouté un groupement de molécule. Au niveau de l'extrémité 5', c'est une guanine triphosphate qui est rattachée. Elle constitue la coiffe. Pour l'extrémité 3', c'est une succession d'adénine qui est rajoutée. Cela forme la queue poly-A. Ces rajouts permettraient de protéger l'ARN contre d'éventuelles dégradations par les enzymes cytoplasmiques. La coiffe servira aussi lors de la synthèse des protéines.

Dans un second temps, l'ARNm va être découpé puis recollé en plusieurs endroits. C'est l'**épissage**. Cette étape permet d'éliminer les portions non codantes, et donc inutiles, de l'ARNm.

L'ARNm sort alors du noyau par les pores nucléaires en direction du hyaloplasme pour y subir la traduction, nécessaire à la formation d'une protéine.

2 : La traduction : Après transcription de l'ARNm, ce dernier est traduit en une chaîne polypeptidique au niveau des ribosomes qui vont attacher bout à bout par des liaison peptidiques (CO-NH), des acides aminés activés par leur ARNt, l'ensemble forme un Amino-Acyl-ARNt.

Tout comme la réplication et la transcription, la synthèse protéique est polarisée. Les ribosomes se déplacent dans le sens 5' vers 3' sur l'ARNm, et synthétisent le polypeptide correspondant de l'extrémité NH2 terminale vers l'extrémité COOH terminale.

La séquence de l'ARNm est décodée par groupe de trois nucléotides (codon) qui correspondent à un acide aminé particulier ou aux signaux d'initiation et de terminaison. L'ensemble de cette codification constitue le code génétique dont la correspondance nucléotides et acides aminés est représentée dans le tableau suivant :

UUU, UUC : Phe UUA, UUG : Leu	UCU, UCC : Ser UCA, UCG : Ser	UAU, UAC : Tyr UAA, UAG : Stop	UGU, UGC : Cys UGA : Stop UGG : Trp
CUU, CUC : Leu CUA, CUG : Leu	CCU, CCC : Pro CCA, CCG : Pro	CAU, CAC : His CAA, CAG : Gln	CGU, CGC : Arg CGA, CGG : Arg
AUU, AUC, AUA : Ile AUG : Met	ACU, ACC : Thr ACA, ACG : Thr	AAU, AAC : Asn AAA, AAG : Lys	AGU, AGC : Ser AGA, AGG : Arg
GUU, GUC : Val GUA, GUG : Val	GCU, GCC : Ala GCA, GCG : Ala	GAU, GAC : Asp GAA, GAG : Glu	GGU, GGC : Gly GGA, GGG : Gly

Parmi les principales caractéristiques du code génétique on peut noter:

* Le premier nucléotide du premier codon détermine le cadre de lecture ouvert (ORF : Open Reading Frame).

* Il n'y a pas d'espace entre des codons successifs (comme il y en a entre deux mots).

* Il y a 64 possibilités de combiner les nucléotides en codons (4^3). Comme il y a 20 acides aminés, il y a donc 44 codons supplémentaires. 3 correspondent à des codons stop ou non-sens, les autres sont des synonymes qui codent pour différents acides aminés.

* On observe une utilisation préférentielle de certains codons pour une espèce donnée. Ainsi l'usage des codons diffère d'une espèce à l'autre.

* Enfin l'universalité du code génétique présente quelques exceptions. Par exemple, le codon AGA correspond à une arginine dans une cellule eucaryote et à un codon stop dans une mitochondrie.

Le mécanisme de la traduction se réalise en 04 étapes :

a) Activation des acides aminés par les ARNt :

Cette étape est essentielle pour la lecture correct de l'ARNm, en effet c'est l'ARNt qui par le triplet de nucléotide (anticodon) qu'il porte, détermine l'acide aminé qui s'associera à la chaîne polypeptidique en élongation. Pour cela, l'ARNt fixe un acide aminé grâce à une enzyme appelée Amino-Acyl-ARNt-Synthètase qui est spécifique à l'acide aminé. Il y a donc une Amino-Acyl-ARNt-Synthètase pour chaque acide aminé

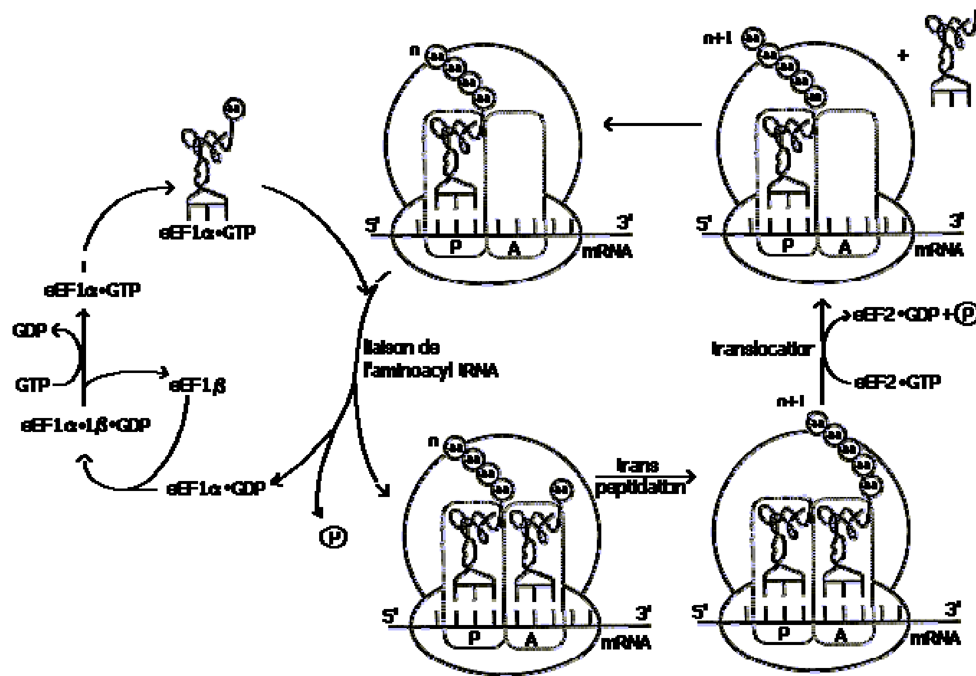
b) L'initiation : Au début de la synthèse il est indispensable que le ribosome se fixe à un endroit précis sur l'ARNm, le codon d'initiation, par où s'amorce la lecture de l'ARNm. C'est d'abord la petite sous unité ribosomique qui va s'associer à la première séquence AUG (codon d'initiation). Elle reconnaît ce codon grâce à une séquence spécifique, présente sur l'ARNm bactérien appelée séquence de **Shine Dalgarno** qui est localisée 5 à 10 nucléotides avant le codon d'initiation. Chez les Eucaryotes, la petite sous unité reconnaît d'abord l'extrimité 5' de l'ARNm qui porte la coiffe de **Méthyle guanosine**, puis elle balaie l'ARNm jusqu'à ce qu'elle rencontre une séquence de nucléotides qui renferme le codon d'initiation AUG.

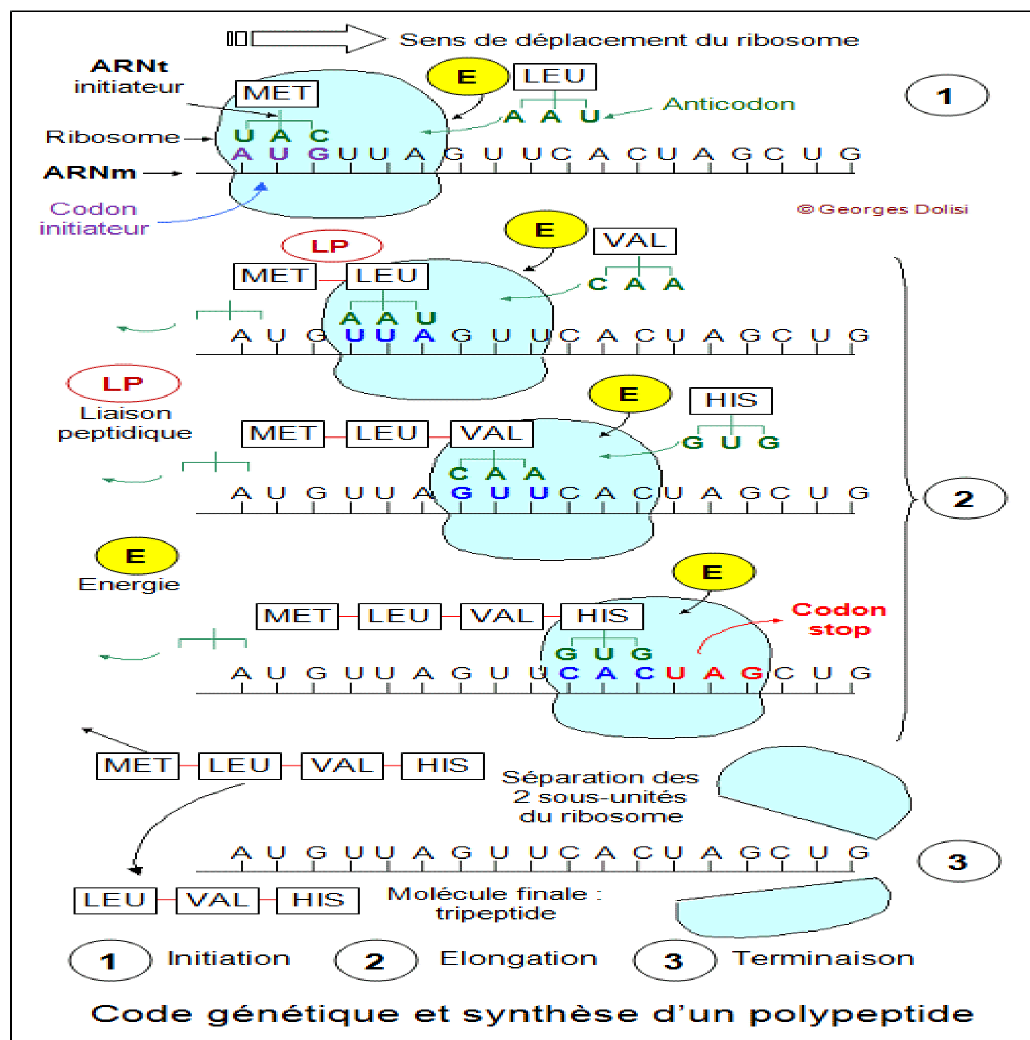
Comme le codon d'initiation AUG code pour la Méthionine, donc, la synthèse de toutechaîne polypeptidique débute toujours par la Méthionine qui est ainsi le premier acide aminé incorporé. L'ARNt portant la méthionine se rattache au codon d'initiation AUG qui se trouve à la suite de ce site de fixation. La grosse sous-unité peut alors se fixer elle aussi et rendre le ribosome actif. Des facteurs d'initiations participent à ces différentes mises en place. Il y a également une consommation de GTP.L'ARNt se place dans le site P du ribosome.

c) Élongation : Un nouvel ARNt, correspondant au codon suivant de l'ARNm se fixe dans le site A du ribosome grâce à un facteur d'élongation et la consommation d'une molécule de GTP. Une enzyme, la peptidyl transférase, permet ensuite la formation d'une liaison peptidique entre les acides aminés des deux sites. Le peptide est alors rattaché à l'ARNt du site A. L'ARNt du site P, qui ne possède plus d'acide aminé, se détache et libère la place. Une phase de translocation fait passer l'ARNt restant du site A au site P. Ce déplacement entraîne aussi l'ARNm toujours apparié à l'ARNt. On observe donc un déplacement d'un codon au niveau du ribosome. Une molécule de GTP est encore nécessaire pour permettre la translocation.
Un nouvel ARNt peut alors s'accrocher, le cycle se poursuit jusqu'à l'apparition d'un codon STOP.

d) Terminaison : Elle se déclenche par l'arrivé au site A du ribosome de l'un des 03 codons stop (UAA , UAG , UGA) qui met un terme à l'assemblage des acides aminés au niveau de la chaîne polypeptidique . Lorsque le ribosome atteint un de ces codons stop, l'élongation s'arrête et la chaîne polypeptidique est libérée. La terminaison s'effectue grâce à des facteurs de libérations qui sont des protéines qui réagissent directement avec les codons stop. L'action du facteur de libération se traduit par la coupure de la liaison polypeptide-ARNt et la libération de la chaîne polypeptidique de l'ARNt, ainsi la séparation des 02 sous unités ribosomiques

Chez les procaryotes, il y a 02 facteurs de libération **RF1** (Realeasing Factor) qui reconnaît UAA et UAG et **RF2** reconnaît UGA. Par contre chez les Eucaryotes, il y'en aurait qu'un seul facteur **(eRF).**


eEF1α•GTP
eEF1α•GTP
GDP
GTP
eEF1β
eEF1α•1β•GDP
eEF1α•GDP
P
liaison de l'aminoacyl tRNA
trans peptidation
translocation
eEF2•GDP+P
eEF2•GTP
n
n+1
5'
3'
P
A
mRNA


Sens de déplacement du ribosome
ARNt initiateur
Ribosome
ARNm
Codon initiateur
MET
LEU
VAL
HIS
E
Anticodon
LP
LP Liaison peptidique
E Energie
Codon stop
© Georges Dolisi
Séparation des 2 sous-unités du ribosome
Molécule finale : tripeptide
1 Initiation
2 Elongation
3 Terminaison
Code génétique et synthèse d'un polypeptide